



TITLE:

ランダムな衝突モデルの集団生物学への応用(集団生物学の理論的研究,研究会報告)

AUTHOR(S):

伊藤, 栄明

CITATION:

伊藤, 栄明. ランダムな衝突モデルの集団生物学への応用(集団生物学の理論的研究,研究会報告). 物性研究 1983, 40(1): 132-134

ISSUE DATE:

1983-04-20

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/90877>

RIGHT:

石井一成

これまで中立説では説明が困難だとされてきた2つの通則²⁾(上述の通則①と通則③)についても、より良くより自然な説明ができることが分っている。^{3~5)}

上述のように、分子進化速度と酵素多型の経験通則は、環境ゆらぎ説によってそれぞれ説明できるが、遺伝子座位を記述単位とした揺動淘汰モデルによる限り、速度と多型の関係は明確ではなかった。そこで、環境ゆらぎ下にある塩基座位での平均進化速度 v と平均ヘテロ接合度 $\langle H \rangle$ の間の関係の原型として、接続型揺動淘汰と突然変異の下にある2アレルモデルの v 、 $\langle H \rangle$ 関係を、最後に報告した。相対進化速度 $v^* \equiv v/\mu$ が与えられたときの $\langle H \rangle$ の上限 $h(v^*)$ は、 $0 < v^* < 1$ で $h(1) = 0.5$ に単調増大し、 $v^* > 1$ で緩やかに単調減少する。 $\langle H \rangle$ が与えられたときの v^* の下限 m 、上限 M は $m < 1 < M$ であり、 $v^* \sim M$ では $\langle H \rangle$ はモデルパラメタに余り強く依存しない。通則③からすると、酵素多型に関与する少数の塩基座位では $v^* > 1$ である可能性が考えられる。中立説の $v^* = 1$ に鑑み、DNAレベルでのデータ解析が今後の課題である。

尚、この講演は、松田博嗣(九大・理)、荻田直史(理研)との共同研究の報告である。

参考文献

- 1) M. Kimura, ed. Molecular Evolution, Protein Polymorphism and the Neutral Theory. Japan Scientific Societies Press, 1982.
- 2) M. Kimura, Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 76 (1979) 3440.
- 3) 松田博嗣, 石井一成. 生物集団と進化の数理. 岩波, 1980.
- 4) 石井一成, 松田博嗣. 数理科学 No.216 (1981) 54.
- 5) K. Ishii, H. Matsuda and N. Ogita, J. Math. Biol. 14 (1982) 327.

ランダムな衝突モデルの集団生物学への応用

統計数理研究所 伊藤 栄 明

A, B, C, 3つの箱があるとし、それぞれに N_A , N_B , N_C 個の粒子が入っているとする。AはBよりも強く、BはCよりも強く、CはAよりも強いというジャンケンと同様な強弱関係を考える。いまランダムに2つの粒子をえらび、一方がA他方がBに入っていたとすれば、Bの1粒子がAに移動するものとする。えらばれた2粒子のうち弱い方の箱に入っている粒子が強い方の箱に移動するものとする。もし2粒子が同じ箱に入っていた場合、変化は起きないものとする。このような操作を繰り返して行くという urn model を考える。このモデルはランダム

な衝突のモデルという考え方もできる。ある系に A, B, C, 3 種の粒子があるとし、ランダムな衝突が繰り返されて行く。衝突により弱い方の種の 1 粒子が強い方の種の 1 粒子に変化する。衝突する 2 粒子が同じ種に属する場合に変化は起きないものとする。このモデルの挙動を常微分方程式系により近似すると Lotka-Volterra 方程式が得られる。種数を m とし、衝突の規則をより一般的なものにすることもできる。種 i , 種 j からなる 2 粒子が衝突する際に i が j より強い確率が $\frac{1}{2} + a_{ij}$, ($a_{ij} + a_{ji} = 0$, $a_{ij} \leq \frac{1}{2}$) なるモデルを考える。上述のモデルにおいては $|a_{ij}| = \frac{1}{2}$ であり, $a_{ij} = 0$ がすべての i, j について成り立っている場合は, 集団遺伝学における wright model に対応する。集団遺伝学における selection model もこのランダムな衝突モデルにより記述することができる。遺伝子頻度の変化率の平均及び共分散がこれらのモデルと同様になるようなランダムな衝突モデルを考えることができるのである。以上のような 2 体の衝突に基づいたモデルだけでなく, 例えば 4 体の衝突に基づいたモデルを考えると集団遺伝学における overdominance model に対応するものとなる。 A_1, \dots, A_m なる m 個の異った遺伝子からなる系を考える。2 倍体生物で N 個体からなるものとする。2 N 個の遺伝子のなかから先ず 2 個の遺伝子 A_i, A_j がランダムにえらばれ結合し $A_i A_j$ となる。次に残りの 2 $N - 2$ 個のなかから A_k, A_l がランダムにえらばれ結合し $A_k A_l$ となるとする。 $A_i A_j$ と $A_k A_l$ が衝突し, 確率 $\frac{1}{2} + S_{ij,kl}$ で 2 個の $A_i A_j$ に変化し, 確率 $\frac{1}{2} + S_{kl,ij}$ で 2 個の $A_k A_l$ に変化する。ここで $S_{ij,kl} + S_{kl,ij} = 0$, $S_{ij,kl} \leq \frac{1}{2}$, $S_{ij,kl} = S$ if $i \neq j, k = l$, $S_{ij,kl} = -S$ if $i = j, k \neq l$, $S_{ij,kl} = 0$ if $i \neq j, k \neq l$ or $i = j, k = l$, $S > 0$ とする。このような衝突が繰り返されて行くというモデルを考えると, 遺伝子頻度の平均値及び共分散は $E(\Delta x_i) = C_1 S ((\sum x_i^2) - x_i) \Delta t$, $E(\Delta x_i \Delta x_j) = C_2 x_i (\delta_{ij} - x_j) (\Delta t)^2$ となる。ここで C_1, C_2 は集団の大きさ及び世代交代の速度により定まる定数である。集団遺伝学においては通常 fitness という量に基づいた別の記述がされており, その場合, 共分散行列は同じであるが $E(\Delta x_i) = C_1 S ((\sum x_i^2) - x_i) / (1 - S \sum x_i^2)$ となる。 S が小なる場合には分母を 1 と考えてよく, ランダムな衝突モデルと一致する。確率微分方程式を用いて集団遺伝学における問題をシミュレーションによって解くという方法は近年よく用いられている。すべての突然変異は新しいタイプであるという仮定, Kimura and Crow (1964), のもとで overdominance model が Maruyama and Nei (1982) に確率微分方程式を用いたシミュレーションにより議論されている。ランダムな衝突モデルはシミュレーション法として用いることができ, S が小さい場合には Maruyama と Nei の結果とほぼ同じ値を与える。ランダムな衝突モデルによる方法は拡散近似をせず, より離散的なもので近似をしようという考えに基づいているが, これらの方法の比較については別の機会に述べることにしたい。

参考文献

- 1) Y. Itoh (1979) J. Appl. Prob. 16, 36.
- 2) M. Kimura and J. F. Crow (1964) Genetics 49, 725.
- 3) T. Maruyama and N. Nei (1982) Genetics 98, 441.

イースト細胞集団の年齢構成

茨城大・理 浜 田 哲 夫

発芽によって増殖するイースト細胞は、今までに産んだ娘細胞の数を、細胞壁に発芽痕(スカー)として記録している。このスカーは蛍光染料で染まるので、顕微鏡下で数えることができる。いま、スカーの個数 n をその細胞の年齢と呼ぶことにし、ある時刻 t での集団の総人口を $X(t)$ 、そのうち n 才のものを $X_n(t)$ と書いて、人口の年齢構成比 $X_n(t)/X(t)$ を理論的に調べた。以下分ったことを箇条書きにする。くわしいことは、J. theor. Biol. Vol. 97, No. 3 および Vol. 99, No. 4 を参照していただきたい。

[1] 十分増殖が進んだ集団については、 X_n/X は時間によらぬ定数 f_n に近づく。 f_n の値は培養の初期条件にはよらず、細胞が n 才になってから子供を産んで $n+1$ 才になるまでの平均時間 g_n の相対的な値だけできまる。 g_n が与えられたとき f_n を決定する式は、比較的簡単な代数方程式で、数値的に解くことは容易である。逆に、もし実験的に定常年齢構成比 f_n と総人口の増加率がわかっていれば、 g_n を決定することができる。実験データの精度は、集団の平均年齢が 1 になるという法則にてらして判定できる。

[2] 現実のイーストでは、 $g_0 > g_1 \simeq g_2 \simeq g_3 \simeq \dots$ が成立している。このときは f_0 は 50% より大きく、 $n \geq 1$ 以上の g_n の差を無視すれば、 f_1, f_2, \dots は公比 f_0 で幾何級数的に減少する。

[3] 年齢構成比が定常になっている集団では、細胞サイクルの位相についての分布は $U_n(s)e^{-rs}$ に比例している。ここで、 s は子供を産んだ(あるいは 0 才児については生れた)ときから計った時間、 $U_n(s)$ は n 才児が $s=0$ から s まで子供を産まないでいる確率、 r は総人口の増加率である。この場合には、 n 才児が単位時間あたり子供を産む確率(出産率)は時間によらない(一般にはそうはならない)。

[4] 過渡的な非定常人口構成を求めるためには、連立微積分方程式をとく必要があり、答はもちろん初期条件によってちがう。特に興味深いのは、時間の関数として X_n/X が減衰振動を